

CBRC Newsletter 31,32

<http://www.cbrc.jp/>

合併号

「祖型」と「反復」



藤 博幸

(Hiroyuki TOH)

生命情報工学研究センター 副研究センター長

以前にもニュースレターの巻頭言を書かせていただきましたが、改めて自己紹介させていただきます。私がこの分野に入ったのは、1983年に九州大学数理生物講座の宮田隆先生のもとで分子進化の研究を始めたのがきっかけでした。修士に進学した時に、B型肝炎ウイルス(HBV)の抗原性決定部位予測の仕事をしていただいたのですが、これが面白くない。以前の卒業生の方がその仕事をしており、その後増えたデータを加えて解析をやり直すだけだったからです。何とか面白い話にならないかとHBVの論文を調査したところ、HBVの生活環に逆転写の過程があることを示唆する実験の報告を見つけました。逆転写はRNAウイルスであるレトロウイルスに特異的な現象と考えられていたので、DNAウイルスであるHBVが逆転写をしているというのは驚くべきことでした。しかし、その論文では逆転写酵素をHBVが自前で

コードしているのか、レトロウイルス由来なのかは明らかにされていませんでした。そこで、HBVのゲノム中の遺伝子産物とレトロウイルスの遺伝子産物との配列類似性を調べたところ、微弱ながら統計的に有意な類似性を両者のポリメラーゼの間に検出することができました。これをきっかけとして、私は微弱な相同配列の解析の世界(Twilight Zone by R.F. Doolittle)に足を踏み入れ、まっとうな分子進化研究からは足を踏み外してしまいました。その後、配列ばかりでなく、立体構造やゲノム情報を利用した解析も行なってきましたが、基本的に私の興味の根っ子には「祖型」と「反復」があるように思います(エリアーデの定義と違うという突っ込みは無視します)。大野乾先生の遺伝子重複説(1創造多盗作)にあるように、生物の世界では全くの創造は少なく、「祖型」から複製を生成し、その複製を変化させることで新規機

能を創造しています。しかし、「祖型」と「反復」は、遺伝子レベルだけではなく、体節や四肢などの高次の生命現象の中でも現れてきます。相同配列の比較は、配列からの機能/構造情報の抽出に極めて有効でしたが、高次の相同性(例えば連続相同器官)の比較解析も、再生や免疫などの高次機能に関する情報抽出に役立つのではないかと期待しています。もちろん、そこで比較の対象となるのは個々の構造や配列ではなく、ゲノムや発現データなどから得られる動的なネットワークの描像であり、そのような比較のために様々な情報科学的アプローチの融合が必用になってくると思われます。CBRCには様々な分野の人材が集まっているので、皆さんから勉強させていただき、新たな相同性比較解析を生み出すことができればと思っています。最後は大風呂敷を広げてしまいましたが、以上自己紹介でした。